



**UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO
FACULTAD DE ESTUDIOS SUPERIORES CUAUTITLÁN
LICENCIATURA: MEDICINA VETERINARIA Y ZOOTECNIA**

**PROGRAMA DE LA ASIGNATURA DE:
BIOINFORMATICA PARA MVZ
IDENTIFICACIÓN DE LA ASIGNATURA**

MODALIDAD: Curso-Taller

TIPO DE ASIGNATURA: Teórico-Práctica

SEMESTRE EN QUE SE IMPARTE: Cuarto al Décimo

CARÁCTER DE LA ASIGNATURA: Optativa

NÚMERO DE CRÉDITOS: 06

HORAS DE	Teóricas: 2	Prácticas: 2	Semanas de	TOTAL DE
CLASE A LA			clase: 16	HORAS:
SEMANA: 4				64

ASIGNATURAS ANTECEDENTES OBLIGATORIAS: ninguna

ASIGNATURAS SUBSECUENTES: ninguna

OBJETIVO GENERAL

Proporcionar los conocimientos básicos en Bioinformática, para que con ellos se tenga la capacidad de incursionar a los bancos de datos, para realizar la búsqueda de secuencias de DNA o proteínas para comparar o hacer inferencias sobre datos experimentalmente obtenidos.

PERFIL PROFESIOGRÁFICO REQUERIDO PARA IMPARTIR LA ASIGNATURA

LICENCIATURA	POSGRADO	ÁREA INDISPENSABLE	ÁREA DESEABLE
Medicina Veterinaria y Zootecnia, Biología, Químico Farmacéutico Biólogo, Químico Bacteriólogo Parasitólogo	Maestría en Ciencias y/o Doctorado en Ciencias	Biología Molecular o Biología Celular	Bioinformática

INDICE TEMATICO			
UNIDAD	TEMAS	HORAS TEÓRICAS	HORAS PRÁCTICAS
I	Introducción	4	0
II	Las Bases de Datos	6	8
III	Reproducción y Anotación de biosecuencias de DNA y Proteínas	8	10
IV	Bases de datos de NCBI (Gen Bank), EMBL y DDBJ	4	4
V	Análisis de secuencias	6	6
VI	Otras aplicaciones de la bioinformática	4	4
	Total de Horas Teóricas	32	
	Total de Horas Prácticas		32
	Total de Horas	64	

CONTENIDO TEMÁTICO

Unidad 1. Introducción

- 1.1 Definiendo la Bioinformática y su utilidad.
- 1.2 Las bases de datos
- 1.3 Aplicación de la Bioinformática en el estudio de la Genómica y Proteómica
- 1.4 La WEB como soporte de la bioinformática

Unidad 2. Las Bases de Datos

- 2.1 Diferentes tipos de bases de datos
- 2.2 Pasos en la elaboración de una base de datos
- 2.3 Manejo de una base de datos para análisis y comparación.

Unidad 3. Reproducción y Anotación de biosecuencias de DNA y Proteínas

- 3.1 Datos experimentales obtenidos de la secuenciación de una macromolécula.
- 3.2 Base de datos TXT

Unidad 4. Bases de datos de NCBI (Gen Bank), EMBL y DDBJ.

- 4.1 Estructura del sitio NCBI.
- 4.2 Gen Bank.
- 4.3 EMBL y DDBJ.

UNIDAD 5. Análisis de secuencias

- 5.1 Anotación de genomas: métodos y estrategias.
- 5.1.2 Anotación automatizada vs anotación manual

UNIDAD 6. Otras aplicaciones de la bioinformática

- 6.1 Diseño de oligonucleótidos
- 6.2 Los microarreglos
- 6.3 CGH Hibridación Genómica Comparativa

PROGRAMA DE ACTIVIDADES PRÁCTICAS

PRÁCTICAS DE LABORATORIO (TALLERES, SEMINARIOS, ETC.)

- 1) Elaboración de Bases de Datos (8 horas)
- 2) Reproducción y Anotación de biosecuencias de nucleótidos (6 horas)
- 3) Reproducción y Anotación de biosecuencias de aminoácidos (4 horas)
- 4) Exploración de Bases de datos de NCBI (Gen Bank), EMBL y DDBJ. (4 horas)
- 5) Análisis comparativo de secuencias de DNA y de proteínas (6 horas)
- 6) Investigación de otras aplicaciones de la bioinformática (4 horas)

Tiempo programado para cubrir la parte de Prácticas de Laboratorio
32 horas

SUGERENCIAS DIDACTICAS RECOMENDADAS PARA IMPARTIR LA ASIGNATURA

SUGERENCIAS DIDACTICAS	UTILIZACIÓN EN EL CURSO
APRENDIZAJE GRUPAL	√
DISCUSIÓN EN PEQUEÑOS GRUPOS	√
EXPOSICIÓN ORAL	√
INTERROGATORIO	
EXPOSICIÓN AUDIOVISUAL	√
RESOLUCIÓN DE CASOS	
TRABAJOS DE INVESTIGACIÓN	√
ACTIVIDADES EXTRACLASE	√
PRÁCTICAS DE LABORATORIO	√
OTRAS TÉCNICAS	√

MECANISMOS DE EVALUACIÓN

ELEMENTOS UTILIZADOS PARA EVALUAR EL PROCESO ENSEÑANZA-APRENDIZAJE	UTILIZACIÓN EN EL CURSO	PORCENTAJE DE LA CALIFICACIÓN
EXÁMENES DEPARTAMENTALES (TEORÍA)		
EXÁMENES PARCIALES (TEORÍA)	√	40%
TRABAJOS DE INVESTIGACIÓN	√	10%
PARTICIPACIONES		
TAREAS EXTRACLASE	√	10%
EXÁMENES DEPARTAMENTALES (PRÁCTICA)	√	40%
EXÁMENES PARCIALES (PRÁCTICA)		
PRÁCTICAS DE CAMPO		
OTRAS		

BIBLIOGRAFÍA

BIBLIOGRAFÍA BÁSICA

- 1) Baxevanis, A. D., and Ouelette, B.F.F. *Bioinformatics, a practical guide to the analysis of genes and proteins*. 2nd. Ed. Wiley InterScience. U.S.A. 2001.
- 2) Koonin, E.V., and Galperin, M.Y. *Sequence - Evolution - Function. Computational approaches in comparative genomics*. Ed. Kluwer Academic Publishers. U.S.A. 2002.
- 3) Mount, D.W. *Bioinformatics. Sequence and genome analysis*. Ed. CSHL Press. U.S.A. 2001.
- 4) Ruvinsky, J.A. y Graves, M. (editores). *Mammalian Genomics*. Ed. Wallingford, Oxford Shire. U.K. 2005.

BIBLIOGRAFÍA COMPLEMENTARIA

- 1) Brown, T.A. *GENOMES*. Ed. Wiley-Liss Bios. U.S.A. 2006.
- 2) Lewin, et al., *GENES VIII*. 8^{va}. Ed. Wiley & Sons. N.Y., U.S.A. 2007.
- 3) Sussman, H.E. y Smith, M. (editoras). *Geomes*. Ed. Cold Spring Harbor. N.Y., U.S.A. 2006.
- 4) Watson, et al. *Biología Molecular del Gen*. 5^a. Ed. Médica Panamericana. México. 2006.